



[Number of appeal against examiner's decision  
of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's  
decision of rejection]

[Date of extinction of right]

(19) 日本国特許庁 ( J P )

## (12) 公開特許公報 ( A )

(11) 特許出願公開番号

特開平8-266281

(43) 公開日 平成 8 年 (1996) 10 月 15 日

(51) Int. Cl. <sup>3</sup>	識別記号	序内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 15/09	Z N A	9162-4B	C 1 2 N 15/00	Z N A A
C 0 7 H 21/04			C 0 7 H 21/04	B
C 0 7 K 14/435		8517-4H	C 0 7 K 14/435	
C 0 9 J 189/00	J A J		C 0 9 J 189/00	J A J
// C 1 2 P 21/02			C 1 2 P 21/02	C

審査請求 未請求 請求項の数 3 O L (全 7 頁)

(21) 出願番号 特願平7-75210

(22) 出願日 平成 7 年 (1995) 3 月 31 日

(71) 出願人 591001949

株式会社海洋バイオテクノロジー研究所  
東京都文京区本郷 1 丁目 28 番 10 号

(72) 発明者 井上 広滋

岩手県釜石市平田第 3 地割 75-1 株式会社  
社海洋バイオテクノロジー研究所釜石研究  
所内

(74) 代理人 弁理士 平水 祐輔 (外 1 名)

(54) 【発明の名称】 イガイ接着蛋白質遺伝子

(57) 【要約】

【構成】 配列番号 1 で示されるアミノ酸配列、又は配列番号 1 で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列をコードするイガイ接着蛋白質遺伝子。

【効果】 接着剤の原料として有用なイガイ接着蛋白質の遺伝子を提供する。

1

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1で示されるアミノ酸配列、又は配列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列をコードするイガイ接着蛋白質遺伝子。

【請求項2】 DNA配列が配列番号2で示される請求項1記載のイガイ接着蛋白質遺伝子。

【請求項3】 ミチルス・コラスカス (*Mytilus coruscus*) を起源とし、Pro-Lys-(Ile又はPro)-(Ser又はThr)-Tyr-Pro-Pro-(Thr又はSer)-Tyr-Lysを含むポリペプチドをコードするイガイ接着蛋白質遺伝子。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は水中や湿潤な環境で使用できる接着剤の原料となるペプチドを組換えDNA技術を用いて製造するために用いるDNAに関する。接着蛋白質をコードするDNAを組み込んだ組換え体DNAを含む微生物や培養細胞を培養液中で培養し、該培養物中に蓄積される該ポリペプチドを採集することにより、得られる該ペプチドは、接着剤の原料として広い用途で利用されることが期待される。

【0002】

【従来の技術】 乾燥条件下で強い接着力を示す接着剤は様々な種類のものが開発されている。そのうちの多くのものは一旦乾燥条件下で接着してしまえば湿潤環境におかれてもその強度を維持できる。しかし、湿潤な条件下や水中で接着を開始した場合、有効な強度に達することができない接着剤は存在しなかった。

【0003】 イガイ類は自己を良好な環境に固定するために接着蛋白質を合成して自己を基物に接着させることができる。この接着蛋白質はムラサキイガイにおいては未として数十個のAla-Lys-Pro-Ser-Tyr-Pro-Pro-Thr-Tyr-Lys という10アミノ酸からなる配列の繰り返しにより構成されており、海水中で硬化して十分な接着強度に達することができることが知られている (J.H. Waite, Int. J. Adhesion and Adhesives, 7:9-14, 1987)。この10アミノ酸の配列の繰り返しをコードするDNAを人工的に合成し、微生物に作らせることにより水中で接着可能な接着剤を製造する方法がすでに報告されている (特開平1-104180号公報)。また、一部分が明らかにされている天然のムラサキイガイ接着蛋白質の配列を微生物に組み込んで接着蛋白質を製造する方法も報告されている (D. R. Fitzpatrick et al., Biotechnol. Prog., 6:171-177, 1990)。しかし、接着剤の接着強度はより強いことが望ましく、より強い接着強度を実現するための新たな材料が求められていた。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】 本発明の目的は、より接着強度の強いイガイ類の接着蛋白質を提供することにある。

【0005】

2

【課題を解決するための手段】 本発明者等は、従来接着蛋白質遺伝子について調べられていなかったイガイ (*Mytilus coruscus*) に着目した。イガイは、従来調べられてきたムラサキイガイ (*Mytilus edulis*) やチンアイガイ (*Mytilus galloprovincialis*) よりも波の強い海域を好んで生息する種で、接着強度がこれらの種より強いことが知られている。そして、研究の結果、イガイの足から抽出したmRNAから作製したcDNAライブラリーから、接着蛋白質cDNAを単離することに成功し、本発明を完成した。

【0006】 即ち、本発明は、配列番号1で示されるアミノ酸配列、又は配列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列をコードするイガイ接着蛋白質遺伝子である。また、本発明は、DNA配列が配列番号2で示される上記記載のイガイ接着蛋白質遺伝子である。

【0007】 更に、本発明は、ミチルス・コラスカス (*Mytilus coruscus*) を起源とし、Pro-Lys-(Ile又はPro)-(Ser又はThr)-Tyr-Pro-Pro-(Thr又はSer)-Tyr-Lysを含むポリペプチドをコードするイガイ接着蛋白質遺伝子である。以下、本発明を詳細に説明する。本発明のイガイ接着蛋白質遺伝子は、配列番号1で示されるアミノ酸配列、又は配列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列をコードする。ここで、「配列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列」とは、配列番号1で示されるアミノ酸配列の幾つかのアミノ酸残基について、欠失、置換、付加等の変化が生じた配列であって、前記配列と同様の接着特性を有するアミノ酸配列をいう。なお、配列番号1で示されるアミノ酸配列の部分アミノ酸配列も「配列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列」に含まれることはいうまでもない。

【0008】 本発明の遺伝子の塩基配列の一例としては、配列番号2で示される塩基配列を挙げることができる。本発明の遺伝子の特徴としては、Pro-Lys-(Ile又はPro)-(Ser又はThr)-Tyr-Pro-Pro-(Thr又はSer)-Tyr-Lysをコードする塩基配列を繰り返し含むことである。本発明遺伝子は以下の手順で得ることができる。まずイガイの足をデオキシラン糖アニジン等により可溶化し、フェノール/クロロホルムによる抽出を行ない、イソプロパノールにより沈殿させることにより全RNAを得ることができる。全RNAを得る方法はこの方法に限定されるものではなく、LIC1沈殿法や塩化セシウム溶液に重層して遠心することによっても得られる。全RNAから、オリゴdTセルロースカラムを用いてポリAデニル酸鎖を有するRNA (ポリA-RNA) を調製する。このポリA-RNAを鋳型として逆転写酵素を用いて2本鎖DNAを調製する。この2本鎖DNAの合成はS1ヌクレアゼ法やオカヤマーバーグ法により行ない得るが、市販のcDNA合成キットを用いて合成することも

3

可能である。次いで、得られたcDNAを適当なベクターに挿入し、このベクターを適当な宿主に導入して増幅させるとともに目的のDNAを持つクローンを選択する。ベクターは入ファージ由来の各種ベクター、例えばλgt10や入λAPII など、あるいはpBR322等のプラスミドベクターを用いることができる。目的クローンの選択には繰り返し配列の一部に相当するオリゴヌクレオチドを合成してプローブとして用い、これに強く結合するクローンを選択すればよい。配列の決定はサンガー法やマキサムーギルバート法等の一般的な方法によって決定できる。以上の手順により接着蛋白質cDNAを単離することができる。

【0009】この配列は、イガイ接着蛋白質の成熟ポリペプチド領域全長をコードする領域を有しているため、適当な発現ベクターに挿入し、微生物や培養細胞に導入して発現させることにより、当該ペプチドを大量調製することが可能である。以下、実施例を用いて本発明を更に詳細に説明する。但し、本発明の技術的範囲は、これらの実施例に限定されるものではない。

【0010】

【実施例】

【実施例1】 イガイ足cDNAライブラリーの作製  
北海道戸井町の海岸で採集した殻長4～5cmのイガイ10個体の足よりClontech社のTotal RNA Separator Kitを用いて添付のプロトコールに従って全RNAを抽出し、オリゴdTセルロースカラムに導通してポリアデニル酸鎖を有するRNA（ポリA-RNA）を調製した。この操作により約2μgのポリA-RNAが得られた。次にこのポリA-RNAを鋳型としてStratagene社のUni-ZAP XR cloning kitを用いて添付のプロトコールに従い、cDNAライブラリーを作製した。

【0011】 【実施例2】 接着蛋白質cDNAを含む組織発現ファージの選択

実施例1で得られたcDNAライブラリーを増幅させ、得られた2000個のプラークをナイロンメンブレン ハイボンドN上に固定した。次いでランダムプライマーDNA標識キット（青い造社製）を用いて<sup>32</sup>P]dCTPにより標識したチレニイガイ (*M. galloprovincialis*) 接着蛋白質cDNA (K. Inoue and S. Odo, Biological Bulletin 186, 349-355, 1994) の全長をプローブとして用いて、プラークハイブリダイゼーションを行なった結果、50個以上のプラークがプローブと結合した。これらのうち10個のプラークを任意に選び、挿入されているcDNAの長さをアガロース電気泳動により調べ、最も長い挿入断片を持つものについてSOLAR/ExAssist System (Si

4

ratagene社)を用いて挿入断片をプラスミドベクターpBluescriptSK(+)にサブクローニングした。このプラスミドベクターを*E. coli* Mcfpl-53に導入した。*E. coli* Mcfpl-53は、工業技術院生命工学工業技術研究所に寄託番号FERM P-14865として寄託されている（寄託日：平成7年3月27日）。

【0012】 【実施例3】 接着蛋白質遺伝子の配列決定

実施例2で得られた挿入断片の両端の配列をアプライドパイオシステムズ社製373ADNA シーケンサー及びPRISM Dye Terminator cycle sequencing Kitを用いて配列を決定した。その結果、この挿入断片が接着蛋白質の成熟ペプチド領域の全長を含む配列であることが判明した。さらに、資酒造社製キロシーケンサーキットを用いて、接着蛋白質配列の一部を欠失させた一連のプラスミドを作出し、アプライドパイオシステムズ社製373ADNA シーケンサー及びPRISM Dye Terminator cycle sequencing Kitを用いて全長の配列を決定した。その結果、得られた接着蛋白質遺伝子は図1及び図2に示した通り、成熟ペプチドのアミノ末端からカルボキシル末端まで848アミノ酸の配列及び終止コドンを含んだ全長2547bpの配列を含んでいた。848アミノ酸のうち上流から101残基が非繰り返し領域であり、その下流に接着の機能を持つPro-Lys-ProまたはIle-SerまたはThr-Tyr-Pro-Pro-ThrまたはSer-Lysという10アミノ酸の基本配列とその若干の変異配列を合わせて72回含む繰り返し領域であった。また下流側の非翻訳領域にはポリアデニル酸鎖付加シグナルAATAAAが存在し、そのさらに下流にポリアデニル酸鎖が存在した。

【0013】

【発明の効果】本発明は、イガイ接着蛋白質遺伝子を提供する。本発明の遺伝子から作られる蛋白質は、他のイガイ類の接着蛋白質よりも接着強度が高く、接着剤の原料として有用である。

【0014】

【記列表】

配列番号 1

配列の長さ：848

配列の型：アミノ酸

トポロジー：不明

配列の種類：タンパク質

起源

生物名：Mytilus coruscus

配列

5

6

AsnIleHisAsnValTyrGlySerAlaTyrSerGlyAlaSerAlaGlyAlaTyrLys-  
 ThrLeuProGlySerHisProTyrGlySerLysHisValProValTyrLysProMet-  
 AsnLysIleProThrProTyrIleSerLysLysSerTyrProAlaProTyrLysPro-  
 LysGlyTyrTyrProThrLysArgTyrGlnProThrTyrGlySerLysThrAsnTyr-  
 ProProIleTyrLysProIleAlaLysLysLeuSerSerTyrLysAlaIleLysThr-  
 ThrTyrProAlaTyrLysAlaLysThrSerTyrProProSerTyrLysHisLysIle-  
 ThrTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysGlnLys-  
 ProSerTyrProProSerTyrLysProLysThrThrTyrProProThrTyrLysPro-  
 LysIleThrTyrProProThrTyrLysArgLysProSerTyrThrProTyrLysPro-  
 LysAlaThrTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLys-  
 ArgLysProSerTyrThrProTyrLysProLysThrThrTyrProProThrTyrLys-  
 ProLysIleSerTyrProSerIleTyrLysProLysAlaSerTyrValSerSerTyr-  
 LysSerLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProProThr-  
 TyrLysProLysProSerTyrProProThrTyrLysProLysValThrTyrProPro-  
 ThrTyrLysProLysProSerTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrPro-  
 ProThrTyrLysProLysProSerTyrProThrProTyrLysGlnLysProSerTyr-  
 ProProIleTyrLysSerLysSerSerTyrProThrSerTyrLysSerLysLysThr-  
 TyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysPro-  
 SerTyrProProSerTyrLysProLysLysThrTyrSerProThrTyrLysProLys-  
 IleThrTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProSerTyrLysPro-  
 LysThrThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProProThrTyrLys-  
 ProLysAlaSerTyrValSerSerTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyr-  
 LysProLysIleSerTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProThr-  
 TyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProPro-  
 ThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysArgLysProSerTyrPro-  
 ThrProTyrLysGlnLysProSerTyrProProIleTyrLysSerLysSerSerTyr-  
 ProThrSerTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysIleThr-  
  
 TyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProSerTyrLysProLysThr-  
 ThrTyrProProThrTyrLysProLysIleArgTyrProProThrTyrLysProLys-  
 AlaSerTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysPro-  
 LysProSerTyrProThrProTyrLysGlnLysProSerTyrProProIleTyrLys-  
 SerLysSerSerTyrProThrAlaTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyr-  
 LysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProSer-  
 TyrArgProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysLysSerTyrProGln-  
 AlaTyrLysSerLysGlySerTyrProProSerTyrGlnProLysLysThrTyrPro-  
 ProSerTyrLysProLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyr-  
 ProProThrTyrLysThrLysProSerTyrProAlaSerTyrLysArgLysThrSer-  
 TyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProSerThrTyrLysAlaLysPro-  
 SerTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyrLysProLys-  
 IleArgTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyrLysPro-  
 LysIleArgTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyrLys-  
 ProLysIleArgTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyr-  
 LysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProProThr-  
 TyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProPro-  
 AlaTyrLysProLysIleSerTyrProSerGlnTyr

【0015】配列番号 2  
 配列の長さ: 2547  
 配列の型: 核酸  
 鎖の数: 2本鎖

トポロジー: 直鎖状  
 配列の種類: mRNA to cDNA  
 起源  
 50 生物名: Mytilus coruscus

配列

AACATACACAAAGTATATGGCTCAGCTTATTCTAGGTGCAAGCGCTGGGCTTACAGG-  
ACATTATCCCGCTTACATCCATACGGATCAAGCATGTACAGTATATTAACCTATG-  
AATAGATTTCGAACCCATATATATCGAAGAAAATTATCCGGCACCATATAAACCG-  
AAGGCTATATATCTACGAAAGCTTATCGAGCAACATATGGATCAAGACCAAACTAT-  
CCGCGCATATATAAGCCAAATTCGAAGGAAGCTATCATCATACCAAGCTATTAAAGCA-  
AGGTATCCGGCTATATAAGCAAAAACAGTTTATCCCAAGTTATTAACAATAAGATA-  
ACTTATCTCCCAACATATAAACCTAAGATTACTTATCTCCCAACATATAAGCAAAAG-  
CGAAGTTATCCAGCATATATAAACCTAAACCTACTTATCCCGCAACATATAAACCT-  
AAGATAACTTATCCAGCAACATATAAACGAAAGCCAAAGTTATACACCATATAAACCT-  
AAAGCTACTTATCTCCCAACATATAAGCGAAGATAACTTATCCCAACCATATAAA-  
CGAAGCGCAAGTTACACACCATATATAAACCTAAACCTACTTATCTCCCAACATATAAA-  
CGAAGATAGTTATCTCTCAATATATAAACGAAAGCAAGTTATCTGTCATCATAT-  
AAATCTAAGAAAACCTTATCTCCCACTTATAAACCTAAGTAAAGTAACTTACCTCGAACA-  
TATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCTCCCAACATATAAACGTAAGGTAACTTATCTCGCA-  
ACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCTCCCAACATATAAACGTAAGTAACTTATCTCT-  
CGAATATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCGCAACCTTATAAACGCAAGCCAAAGTTAT-  
CTCTCGAATATATAAATCCAAAGCTTATCTCTCGCACTTATATAAATCTAAGAAAACCT-  
TATCCGCAACATATAAACCTTAAATTAAGTTATCCCAACATATAAACGCAAGCCAA-  
AGTTATCCCAACATATAAACCTAAGAAAACCTTATCTCGCAACATATAAACCTAAG-  
ATTAAGTTATCCCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCCCAACATATAAACCT-  
AAAGCTACTTATCTCTCGCAACATATAAACCTAAGTAAAGTAACTTATCTCGCAACATATAA-  
CGAAGCCAAAGTTATCTCTCGCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCGCAACAT-  
ATAAACCTAAGTAACTTATCTCTCGCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCGCA-  
ACATATAAACCTAAGTAACTTATCTCTCGCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCGCA-  
ACAGCTTATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCTCGCAACATATAAACCTAAGTAACTTAT-  
CTCGACTTATATAAATCTAAGAAAACCTTATCTCGCAACATATAAACCTAAGTAACT-  
TACCCCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCGCAACATATAAACCTAAGACT-  
ACTTATCTCGCACTTATAAAGCTTAAGTACAGTTATCTCGCAACATATAAACGCAAG-  
CCAAAGTTATCTCGCAACATATAAACCTAAGTAACTTATCTCGCAACATATAAACGCA-  
AAAGCCAAAGTTATCGCAACCTTATAAACGCAAGCCAAAGTTATCTCGCAATATAAA-  
TCCAAAGTTAGTTATCGCACTGCATATAAATCTAAGAAAACCTTATCTCGCAACATAT-  
AAAGCTTAAATTAAGTTATCGCAACATATAAACGCAAGCCAAAGTTATCGCAACATCA-  
TATAGACTAAGATTACTTATCTCGCACTTATAAACCTAAGAAAACCTTATCTCGCA-  
CGATACAAATCTAAGGGAAGTTATCGCCCTTCTTATCAAGCCAAAGAAAACCTTATCGC-  
CATCTTATAAACCTAAGAAAACCTTATCTCGCAACATATAAACGCAAGTAACTTAT-  
CCAGCAAGCTATAAAGCAAGCCAAAGTTATCGCAACATATAAACCTAAGTAACTTAT-  
TATCTCTCGCAACATATAAACCTAAGTAACTTATCTCGCACTTATAAAGCCAAAGCCAA-  
AGTTATCGCAACATATAAAGCAAGCCAAAGTTATCGCTCATCATATAAACCTAAG-  
ATAGCTTATCGCAACCTATAAAGCCAAAGCCAAAGTTATCGCTCATCATATAAACCTAAG-  
AAGTATCGCAACCTATAAAGCCAAAGCCAAAGTTATCGCTCATCATATAAACCTAAG-  
AAGTATCGCAACCTATAAAGCCAAAGCCAAAGTTATCGCTCATCATATAAACCTAAG-  
CCTAAGTATCGCTATTCAGCAAGCTTATAAACGCAAGCCAAAGTTATCGCTCATCATAT-  
AAAGCTAAGTAACTTATCTCGCACTTATAAACCTAAGTAAAGTAACTTATCGCTCATCA-  
TATAAGCCGAAATTAAGTTATCGCTCATCATATAAACGCAAGCTAAGCTATCTCGCA-  
GCATATAAGCCGAAAGTTATCGCTCATCATATAAACCTAAGTAAAGTAACTTATCGCTCAT-  
ACATATTCATCGCACTTATCATATCTCTTATCGCTTATCGCTTATCGCTTATCGCTTAT-  
AGTAAAGTAACTTATCTTAAAGCCGCTAAGGATTCTCAATATTCATCTTATCTTATCT-  
GTTTTCCTTATCTTCTCAAGTATCTTCTTAAAGTAAAGCTTCTTCTCTTAAAGAAA-  
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

9

74

【図面の簡単な説明】

【図2】本発明のイガイ接着蛋白質遺伝子の塩基配列を示す図である。

【図 1】本発明のイガイ接着蛋白遺伝子の塩基配列を示す図である。

【例 1】

[illegible]

斜体で示したアミノ酸はシグナル配列を示す

下線で示したアミノ酸は非標準的な領域を示す



【図2】

1340 1550 1560 1570 1580 1590 1600 1610 1620  
 TCGAGTATCCGACCTGCTATTAATCTGTAAGAAAGCTATGCTCCACAGATATAAGCTATAAGTACCTGACACACATATAAAGCAAG  
 SerSerGlyProThrSerThrLysSerLysLysThrThrProProThrThrLysProLysLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 1630 1640 1650 1660 1670 1680 1690 1700 1710  
 CGAGCTATGACGACATGATATAAGCTTAAGACTATATCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ProSerGlyProProSerThrLysProLysThrThrThrProProThrThrLysProLysLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 1720 1730 1740 1750 1760 1770 1780 1790 1800  
 CGAGCTATGCTCCACATATAAGCTTAAGTATGCTTACCTCCACAGTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 AlaSerThrProProThrThrLysProLysLysThrThrProProThrThrLysProLysLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 1810 1820 1830 1840 1850 1860 1870 1880 1890  
 CGAGTATATGCTGATATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ProSerThrProProSerThrLysSerLysSerSerThrThrLysThrLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 1900 1910 1920 1930 1940 1950 1960 1970 1980  
 ATAACTTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ThrThrThrProProThrThrLysProLysProSerThrThrThrLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 1990 2000 2010 2020 2030 2040 2050 2060 2070  
 AAAAGTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 LysSerThrProLysLysSerLysSerLysSerThrThrProProThrThrLysThrThrProProSerThrLysProLys  
 2080 2090 2100 2110 2120 2130 2140 2150 2160  
 AAAAGTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 LysSerThrProLysLysSerLysSerLysSerThrThrProProThrThrLysThrThrProProSerThrLysProLys  
 2170 2180 2190 2200 2210 2220 2230 2240 2250  
 ACGAGTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ThrThrThrProProThrThrLysProLysLysSerThrThrThrLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 2260 2270 2280 2290 2300 2310 2320 2330 2340  
 CGAGTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ProSerThrLysSerThrLysProLysLysSerThrThrProProThrThrLysThrThrProProSerThrLysProLys  
 2350 2360 2370 2380 2390 2400 2410 2420 2430  
 ATAGCTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ThrThrThrProProThrThrLysProLysLysSerThrThrThrLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 2440 2450 2460 2470 2480 2490 2500 2510 2520  
 CGAGTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ProSerThrLysSerThrLysProLysLysSerThrThrProProThrThrLysThrThrProProSerThrLysProLys  
 2530 2540 2550 2560 2570 2580 2590 2600 2610  
 ATAGCTATGCTCCACATATAAGCTTAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 ThrThrThrProProThrThrLysProLysLysSerThrThrThrLysThrThrProProThrThrLysProLys  
 2620 2630 2640 2650 2660 2670 2680 2690 2700  
 TAAAGTAAATATGAGTATGCTCCACATATAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA  
 2710 2720 2730 2740 2750 2760 2770 2780 2790  
 GGTATGAGTATGCTCCACATATAAGCTTATGCTCCACAGCTTATAAGCAATTAAGTATGCTGCTCAAGATATAAGCAATTA

アスタリクスは終止コドンを示す

下線で示した塩基はポリA付加シグナルを示す